

基于遗传算法的盲信道估计新算法¹

韦 岗 陈芳炯

(华南理工大学无线电与自控所 广州 510641)

摘 要 基于单输入多输出的信道模型, 该文提出一种基于遗传算法的信道盲估计算法. 该算法的特点是基于低阶统计量, 计算速度快; 并且把信道阶数作为染色体的一部分参与估计, 从而能在信道阶数未知的条件下同时对信道阶数和参数进行估计. 仿真结果表明该算法的性能优于现有的非迭代算法.

关键词 遗传算法, 盲估计, 单输入多输出信道模型

中图分类号 TN911.22

1 引 言

传统的信道均衡算法需要训练序列, 这一做法大大影响了现代高速网络的通信性能. 因此不需要训练序列的盲信道估计及盲信道均衡算法吸引了众多研究者的兴趣. 早期的盲估计算法应用信道输出的高阶统计量^[1], 由于这类算法的目标函数不是二次函数, 所以存在局部最小点. 为了确保算法能收敛到全局最优, 人们采用遗传算法, 但由于是基于高阶统计量的盲估计, 存在收敛速度慢的缺点^[2]. 近年来, 人们用接收器阵列来研究信道均衡, 建立了所谓的单输入多输出的多信道模型, 使得基于低阶统计量的盲信道均衡成为可能, 并提出众多成熟的算法^[3,4]. 但是这类算法大部分需要假设信道的阶数已知.

本文提出了一种新的基于遗传算法的信道盲估计算法. 特点是采用低阶统计量, 计算量小, 并且把信道阶数也作为染色体的一部分, 使得能在信道阶数未知的条件下同时对信道阶数和参数进行估计. 本文给出了该方法的迭代解法, 可以避免现有非迭代算法中普遍存在的矩阵求逆、奇异值分解等大计算量的操作.

2 FIR 系统多信道模型和目标函数

假设一个通信系统的输入信号为 $s(n)$, 如果在接收端采用接收器阵列, 则系统的模型为

$$x_m(n) = \sum_{k=0}^L s(n)h_m(k-n) + b_m(n), \quad m = 1, \dots, M \quad (1)$$

其中 M 表示接收器个数, 即信道个数. L 表示每个信道的阶数, 这里假设每个信道的阶数相同. 这一假设并不会失去其普遍性, 因为总可以通过补 0 的方法使得所有信道有相同的阶数. $h_m(n)$ 表示输入信号到第 m 个接收器的冲激响应, 包含了调制、实际的信道传输、解调制、抽样等过程. $b_m(n)$ 是加性的高斯白噪声, 与输入信号不相关. (1) 式所描述的系统可以用矢量形式表示为

$$\mathbf{x}_m(n) = \mathbf{H}_m \mathbf{s}(n) + \mathbf{b}_m(n), \quad m = 1, \dots, M \quad (2)$$

¹ 2001-04-02 收到, 2001-10-08 定稿

国家自然科学基金 (60072048) 及教育部博士点专项基金 (20010561007) 资助

其中

$$\left. \begin{aligned} \mathbf{x}_m(n) &= [x_m(n) \quad x_m(n-1) \quad \cdots \quad x_m(n-N)]^T \\ \mathbf{b}_m(n) &= [b_m(n) \quad b_m(n-1) \quad \cdots \quad b_m(n-N)]^T \\ \mathbf{s}(n) &= [s(n) \quad s(n-1) \quad \cdots \quad s(n-L-N)]^T \\ \mathbf{H}_m &= \begin{bmatrix} h_{m,0} & \cdots & h_{m,L} & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & h_{m,0} & \cdots & h_{m,L} \end{bmatrix} \end{aligned} \right\} \quad (3)$$

于是系统总的输出可以表示为

$$\mathbf{x}(n) = \mathbf{H}\mathbf{s}(n) + \mathbf{b}(n) \quad (4)$$

其中

$$\left. \begin{aligned} \mathbf{x}(n) &= [\mathbf{x}_1^T(n) \quad \cdots \quad \mathbf{x}_M^T(n)]^T \\ \mathbf{b}(n) &= [\mathbf{b}_1^T(n) \quad \cdots \quad \mathbf{b}_M^T(n)]^T \\ \mathbf{H} &= [\mathbf{H}_1^T \quad \cdots \quad \mathbf{H}_M^T]^T \end{aligned} \right\} \quad (5)$$

计算系统输出的自相关矩阵, 得到

$$\mathbf{R}_{xx} = \mathbf{H}\mathbf{R}_{ss}\mathbf{H}^T + \mathbf{R}_{bb} \quad (6)$$

多信道模型的一个关键作用就是使得 \mathbf{H} 有可能具有满列秩. 本文应用输出自相关矩阵 \mathbf{R}_{xx} 的噪声子空间对信道参数进行估计, 要求以下两个假设必须得到满足^[4]:

(1) 参数矩阵 \mathbf{H} 具有满列秩, 这一假设的一个等价命题是多信道模型中各个子信道没有共同零点.

(2) 输入信号自相关矩阵 \mathbf{R}_{ss} 是个满秩矩阵.

实际应用中, 很难检测子信道是否具有共同零点, 因此, \mathbf{H} 为非满列秩, 即子信道有共同零点情况下的盲信道估计需要进一步的研究. 假设 (2) 则可以通过使输入信号为近似独立同分布得以满足.

当上述两个假设得到满足时, 输出的信号子空间可以用 \mathbf{H} 表示, 假设输出信号的噪声子空间为 \mathbf{U} , 由信号子空间和噪声子空间的正交性, 有

$$\mathbf{H}^T\mathbf{U} = \mathbf{0} \quad (7)$$

当 \mathbf{H} 有如 (5) 式所示形式时, 信道参数可由 (7) 式唯一确定^[4]. 我们把 (7) 式作为本文遗传算法的代价函数, 当有噪声存在时, 问题转化为求 (7) 式的最小二乘解. 定义代价函数 $J(\mathbf{h}) = \|\mathbf{H}^T\mathbf{U}\|$, 则信道参数的一个估计可以通过最小化 $J(\mathbf{h})$ 得到, 即

$$\hat{\mathbf{h}} = \arg \min_{\mathbf{h}} J(\mathbf{h}) \quad (8)$$

其中 $\mathbf{h} = [h_{1,0} \quad \cdots \quad h_{1,L} \quad \cdots \quad h_{M,0} \quad \cdots \quad h_{M,L}]$.

3 基于遗传算法的信道盲估计算法

遗传算法基于达尔文的进化论, 通过在计算机上模拟生物进化机制而发展起来的一种全局最优并行搜索算法. 遗传算法把每一个可能的解称为染色体, 初始化时产生一组染色体的种群,

按照一定的适应度函数计算染色体的适应度。然后根据其适应度和一定的策略对染色体进行复制、交叉和变异,以产生新一代的种群。由于新种群的成员继承了上一代种群的优良性态,其适应度将优于上一代。遗传算法通过这样的迭代,使种群向更优解的方向进化,一直到种群满足某个预定的优化指标^[2]。遗传算法具有很大的灵活性,一般需要根据具体的情况制定具体的进化策略。下面对本文所采取的进化策略作一详细的介绍。

编码规则 本文算法中,每一个染色体包含两个部分,一部分用于代表信道阶数,采用二进制编码,一部分用于代表信道参数,采用实数编码。由于信道参数的解存在一个自由度,即当 \mathbf{h} 是 (7) 的解时, $c\mathbf{h}$ (c 为任意常数) 同样是,于是我们可以指定信道参数的搜索范围。

适应度准则 假设种群的规模为 Q , 第 i 代种群第 j 个染色体表示为 $(\mathbf{c}, \mathbf{h})_j^i$ ($j = 1, \dots, Q$), 其中 \mathbf{c}, \mathbf{h} 分别表示染色体的阶数部分和参数部分, 则染色体参数部分的适应度定义为

$$fh_j^i = 1/J(\mathbf{h}_j^i) \quad (9)$$

假设第 i 代种群第 j 个染色体的阶数为 n , 则种群中阶数为 n 的染色体个数定义为该阶数染色体的适应度。记为

$$fh_j^i = \text{cum}_j^i(n) \quad (10)$$

复制 先对染色体按适应度进行排序, 复制分两步进行, 首先按一定比例把种群中适应度最高的一部分染色体直接复制到下一代中。然后按和适应度成正比的概率把染色体复制到下一代。

交叉 设父代的一个染色体对为: $(\mathbf{c}, \mathbf{h})_j^i = (c_1 c_2 \dots c_M, h_1 h_2 \dots h_N)_j^i$ 和 $(\mathbf{c}, \mathbf{h})_k^i = (c_1 c_2 \dots c_M, h_1 h_2 \dots h_N)_k^i$ 。设 $l_1, l_2 \in [1, M]$ 是两个随机整数 ($l_1 < l_2$), 则子代染色体的阶数部分分别为

$$\begin{aligned} c_j^{i+1} &= (c_{1,j}^i \dots c_{l_1,j}^i, c_{l_1+1,k}^i \dots c_{l_2,k}^i, c_{l_2+1,j}^i \dots c_{M,j}^i) \\ c_k^{i+1} &= (c_{1,k}^i \dots c_{l_1,k}^i, c_{l_1+1,j}^i \dots c_{l_2,j}^i, c_{l_2+1,k}^i \dots c_{M,k}^i) \end{aligned}$$

设 $l_3, l_4 \in [1, N]$ 也是两个随机数 ($l_3 < l_4$), $\alpha_{l_3+1}, \dots, \alpha_{l_4}$ 为 $l_4 - l_3$ 个区间 (0,1) 的随机数, 则两个对应的子代染色体分别为

$$\begin{aligned} h_j^{i+1} &= (h_{1,j}^i \dots h_{l_3,j}^i, \alpha_{l_3+1} h_{l_3+1,j}^i + (1 - \alpha_{l_3+1}) h_{l_3+1,k}^i \dots \alpha_{l_4} h_{l_4,j}^i \\ &\quad + (1 - \alpha_{l_4}) h_{l_4,k}^i, h_{l_4+1,j}^i \dots, h_{N,j}^i) \\ h_k^{i+1} &= (h_{1,k}^i \dots h_{l_3,k}^i, \alpha_{l_3+1} h_{l_3+1,k}^i + (1 - \alpha_{l_3+1}) h_{l_3+1,j}^i \dots \alpha_{l_4} h_{l_4,k}^i \\ &\quad + (1 - \alpha_{l_4}) h_{l_4,j}^i, h_{l_4+1,k}^i \dots, h_{N,k}^i) \end{aligned}$$

突变 对父代染色体中阶数部分的每一二进制位, 依一小概率 p_c 进行突变, 形成子代的阶数基因。对参数基因, 作如下突变: 设父代的参数基因为 $\mathbf{h}_j^i = (h_1, h_2, \dots, h_N)_j^i$, 随机产生一个 $[1, N]$ 的整数 d 和一个 $[-1, 1]$ 的实数 β , 则突变后的子代参数基因为 $\mathbf{h}_j^{i+1} = (h_1 \dots h_{d-1}, h_d + \beta/P, h_{d+1}, \dots, h_N)$ 。 P 对收敛速度有很大的影响, 可以在算法的开始选择一个较小的值。经过一定次数的迭代后增大 P 的值。

由 (9) 式可以看到, 阶数基因并不直接影响目标函数 J 的值, 而是通过影响 \mathbf{H}, \mathbf{U} 的结构来影响目标函数。当估计的阶数低于实际阶数, 算法会收敛到另外一个全局最优解 $\mathbf{h} = \mathbf{0}$, 为了防止出现零解, 我们把种群每一参数染色体的第一个数固定为一个较大的数 h_f 。这一做法的另外一个好处就是使得阶数染色体的收敛结果不会低于实际信道阶数。因为当估计阶数低于实际阶数时, (7) 式只存在零解。算法收敛的标准是: 种群中大部分阶数染色体收敛到同一个值:

$\text{cum}_j^i(n)_{\max} - \sum_{\text{其他的}n} \text{cum}_j^i(n) \leq \gamma \text{cum}_j^i(n)_{\max}$, 种群的平均目标函数值在 X 代内的变动小于某个数值, 即 $|J(\mathbf{h})^i - J(\mathbf{h})^{i-X}| < eJ(\mathbf{h})^i$. 当估计的阶数高于实际阶数时, 存在两个以上的非零解^[4]. 所以对每一个收敛的非零解作如下的检验: 保留适应度最高的染色体 $(\mathbf{c}, \mathbf{h})_{s1}$, 作为解的候选. 阶数减 1 并固定下来, 重新进行迭代计算. 并收敛到另一非零解 $(\mathbf{c}, \mathbf{h})_{s2}$, 如果下式满足, 则认为所保留的染色体为算法最终的解.

$$|J(\mathbf{h}_{s1}) - J(\mathbf{h}_{s2})| < (J(\mathbf{h}_{s1}) + J(\mathbf{h}_{s2}))/2 \quad (11)$$

否则, 阶数减 1 并重复上述操作.

4 仿真试验

试验中种群的规模定义为 $Q=48$, 复制时有 $1/8$ 适应度最高的染色体直接复制到下一代. 阶数基因按 $P_c = 10^{-1}$ 等概率进行突变. $h_f=1$, $X=20$, $e = \gamma = 0.1$. 试验采用两个信道的多信道模型, 信道参数为 $\mathbf{h}_1 = [0.42 \quad -0.23 \quad 0.12]$, $\mathbf{h}_2 = [0.22 \quad -0.11 \quad 0.24]$.

实验中阶数染色体的长度为 2, 参数染色体的长度为 8. 有 600 个采用点用于估计输出的自相关矩阵. 一个典型的迭代曲线如图 1 所示. 迭代开始的一段, 是阶数基因的收敛过程, 所以振荡较大. 第一个谷底时, 阶数基因收敛到 4, 同时得到第一个非零解. 接着对解进行检验, 到第二个谷底得到阶数为 3 的一个非零解, 但 (11) 式的检验不能通过, 阶数减一重新进行迭代, 可以看到收敛后的代价函数的值很高. 这时检验通过, 于是第二个谷底为所要求的解.

本文基因算法的目标函数是基于子空间分解, 所以我们就本文的性能和另一种基于子空间分解的算法^[4]进行比较, 对文献[4]的算法我们采用奇异值分解(SVD)求解信道参数. 比较的结果如图 2 所示. 由图 2 可以看出本文算法在较高噪声下略优于文献[4]的算法.

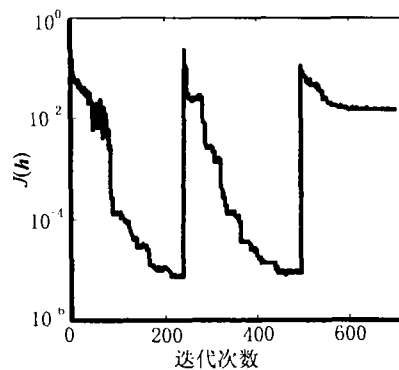


图 1 代价函数曲线

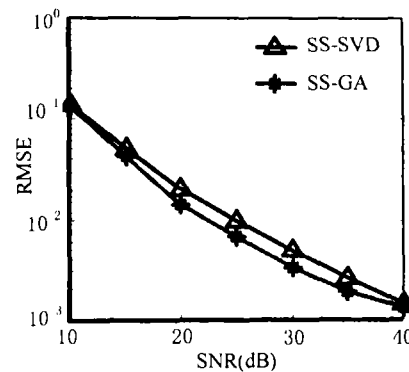


图 2 性能比较

5 结 论

基于多信道模型和子空间分解, 本文提出了基于遗传算法的 FIR 系统盲估计算法. 仿真结果显示, 本文算法的性能优于现有的非迭代算法. 更重要的是, 本算法是基于低阶统计量, 计算速度快; 且无需已知信道阶数就能够对信道阶数及系统参数进行联合估计, 实用性强. 而现有算法都假设信道阶数已知或把这二者分开进行估计.

参 考 文 献

- [1] G. B. Giannakis, J. M. Mendel, Identification of nonminimum phase systems using higher order statistics, *IEEE Trans. on Acoust., Speech, Signal Processing*, 1989, 37(3), 360-377.
- [2] Li Yong, Han Chongzhao, Dang Yingnong, Nonlinear system identification with genetic algorithms, *Proc. of the 3rd World Congress on Intelligent Control and Automation*, Hefei P. R. China, vol.1, 2000, 597-601.
- [3] Yingbo Hua, Fast Maximum likelihood for blind identification of multiple FIR channels, *IEEE Trans. on Signal Processing*, 1996, 44(3), 661-672.
- [4] E. Moulines, P. Duhamel, J. Francois, S. Mayargue, Subspace methods for blind identification of multichannel FIR filters, *IEEE Trans. on Signal Processing*, 1995, 43(2), 516-525.

A NEW BLIND FIR SYSTEM ESTIMATION METHOD
BASED ON GENETIC ALGORITHM

Wei Gang Chen Fangjiong

(Inst. of Radio Eng. and Control, South China Univ. of Technology, Guangzhou 510641, China)

Abstract In this paper, a genetic algorithm is proposed for blind FIR system estimation based on a Single-Input-Multiple-Output (SIMO) model. The key proposition is that the parameters are estimated blindly by using a lower-order statistics based cost function thus the computation can be saved. Both the order and parameters of the channel are encoded in one chromosome, thus they can be estimated jointly without assuming the channel order is known. Simulation results show that the algorithm performs better than traditional algorithms.

Key words Genetic algorithm, Blind estimation, Single-input-multiple-output model

韦 岗: 男, 1963 年生, 博士生导师, 研究方向包括神经网络, 信号处理和语音识别.
陈芳炯: 男, 1975 年生, 博士生, 研究方向包括信道盲估计, 盲多用户检测.